

1_CG15585 .. CR---VVLAL---LLL---VLLHY---CQAKDEGETTORGAVLVSLT .. -----ENMAKSAGSQL-V--QADPFISRNQKQC-----FET-RSLVSCIKYKT
2_CG1148 .. --MAMRALIFL---ALA-----TLVAGEGLRLPDQSSNNIQ .. -----GNDNDPFLARINSNCL-----G-GDLSECFKTOA
3_CG1150 .. QTFKVCALLAF---CFV-LVSAR-----GSKRRDGTVTISESERK-N--IEDFLLAKLQNCR-----QED---DRACKMVKM
4_CG10303 .. HLVASCLLLAL---G-L--NMSLA---AIHKRSGANS--LGVD--- .. -----GKPA-ANPAVS-V--ENTDLLDKLSWK-----ANMASCLYGVA
5_CG15590 .. ---MFRTF-PLLCL---LFLT-----AVRSENC-----DQDAGATLYCRGERA
6_CG1151 .. FVATACILLLA-AGISADPVKAA-----EEQPGAFACQL-----ESD---SISCLQLTL
7_CG1153 .. MASHKVTPGVV---CLV--ALSAA-----LPAEETRGRHARNAI-G--GENDIMDSIYSDCL---RKD---SVSCVKYKL
8_CG15591 .. ---MIKYV---WHV---AALMIVFVCLSSARSASYQH----- .. -----SNPGMGSTGL-W--KDMSMVYRIYQCS-----GDN---MSVCLKVKL
9_CG15592 .. ---MFKFVCL---FAL-IASTA-----AATSEA-D--SLLTSALKMVKDCG-----ERS---MVLCKMERA
10a_CG15593 .. ---MSPL-DIVLL---LVSF---HQVIGSDFSAMSLE----- .. -----FKQCVRG-----SQK-PKIGECGRSA
10b_CG15593 .. ----- .. ----- .. -----CLGSES
11_CG15596 .. --MESRGLLLI---ALL-LAAFQA-----WAMEA--PSNYNQNSTE-S--GLLRTVRHIYQC-----AYS-EDVFWCKIQG
12_CG1154 .. KQWPWQ---ALI---SLLSVLFLA-----CGAATEQL---GSPPGPSPSQ-S--AGARTLLRVYDECT-----RAE-AGFVPCLKKA
13_CG15595 .. FKSSISIVVLH---LLL--LVSPG---GAYTL----- .. ----- .. -----
14_CG1155 .. ---MKVFAIA-CVTLI--AASCV-----FAAPSVQDNQVEGDNTLGRAARYLGAC-----LES-DDMATCLAVKG
15_CG1157 .. ---MCAKFVC---VVL--LASLV---C-GSMALPSQDNT----- .. -----ERDL
16_CG31561 .. ---MLLTKTV-KYLFY-LALFA-----FMCKYATAASVQPTVEVP-AVAPETIRIPQRA-ESLLSGC-----EAS-SFSWMCLKIEF
17_CG15598 .. FLL--LICLIN---SAA---KAD---GTARN---GRLGRHLSTTP .. -----PT--RKPM-D-K--MAPSDSLLRLRARR---FASGNELWDGLVRDCYL-KPDVSCFQKNV
18_CG1169 .. ---MKSTA-ACLIV--ALAAL---STAHS-----PTEGQV--AP-Q--SATQLALDMYHGC-----L-K-DLSVSCVRPKA
19_CG15189 .. ---MAKLLLVIIVGVAAL---VAAGQAAGGSTE--KMORLIAEQNK-----ASG-QDSMACIKERA
20_CG15188 .. AFR---STSL---AFG---CALLL---VASTSVSGAAIENA----- .. -----V--TPRI-H--SSDELITIVDKCF-----H---ANAMHCLKKVKV
21_CG14925 .. ---KRLEWLL---LLA--LVASV---STAVTPRRRRHSAVESA----- .. -----PGDWGTAWGL-G--PEMALVRRVYDDC-----QDK-NDFIGCLKQA
22_CG8644 .. ---MSDLVR---FLL--LSVLC---SSLALAQASSDG----- .. -----NQETST--VS-Q--EAARGLA-SSYEPEDKQALRKNSHIFMGIYKNYKS-TYLGNKTTSEY
23_CG15538 .. R--VPSVLVT---FLL--GVILV---DRYAAGEDLADK----- .. -----SW-I--SQMKKLRSDLRDCYQSGIHQS-----LWSCFRSRS
24_CG15589 .. NSHRKRRCSPL---LYG--IILC---KVAMIPAAVPE-SELDAGAL .. S-----PRKQESSESA-A--FK-----N-----QTITSI-DAELKGLEDDL

1_CG15585 S-KLIWKLA---TNSMGFFPSEYGRDLAGD-----RGRWLRVLQ-----GEPADVVVFNDAKSLEGDSSELTM-----
2_CG1148 L-NTFDEIFF-----KDQYK-----LSDFARVRLPE-----TQOR--SLLQEPF-----EYSEPRGDDDEW
3_CG1150 S-IVMNHLY--L-----NTRID-----LGDRFKVTENGN-----ISMV-----PDDPEVNQLLSRSM-----GSDEET-----
4_CG10303 N-GLMASYRR-----GETLK-----LGLFDLVKLPEDA-----SRKHKW---GTGRG----- .. -----
5_CG15590 LRVNLRNLN--RS-----DKPLV-----VIRGLEIVPLQN-----NSIS----- .. -----D
6_CG1151 F-RKAKSVF--D-----NPQIE-----LFGGVSLVKSNE-----GRQG-----KSLDNSLAVEAAPT-----EARTAE-----
7_CG1153 F-SFVDKVL--GA-----RDQFA-----LTEGVTVVRSPD-----APQQ-----EAARSI-----SGDES-----
8_CG15591 L-TGLEKAF--RS-----AKSL-----LMEGIQFVSSGG-----ESEE-----TKRAPISEKDIEAVLPRSV-----DAKEQV-----
9_CG15592 L-HYFDAE-----NGDVR-----LTEGIALVKTDE-----IPVG-----RSLNEMQLPEEV-----EAREAE-----
10a_CG15593 L-NFIQKLD--E-----SDNVK-----FVEDFVTVKSET-----AAVR-----SLSNVLDTDPVDF----- .. -----
10b_CG15593 E-QLLDGAT--RD-----NSTWQ-----ITDYLSEPK-----V--GISKPE-----TRRMD-----
11_CG15596 V-RLLGRAL--K-----VPQLG-----IVDGVSLVRR-----ESFT-----QDTRSGRSSLLESQ-LSNRDLE-----HLSGKS-----
12_CG1154 I-SFIDRLA--P-----IDAIN-----VAEGIKLVRELET-----APRP-----PATSENELESSLPRSG-----SDRDAK-----
13_CG15595 L-PPVVO-----MGGAIVAAVEQD-----AEQE--AAAEER-----QRVERHWLSMAE
14_CG1155 I-TALNRAA--R-----SNNIE-----LASGVTFORDDPA-----SPVS-----RTGKSMSEQDVYALPQNA-----DERTGR-----
15_CG1157 V-NMLNRLD--S-----EESVA-----LFGGLRIDRSES-----GRSF--GASKAV-----ELMAEVARSYP-----SDPSTR-----
16_CG31561 V-KIMEKLA--E-----QEELN-----VLPGISVVKDEN-----A-----TELKTS-----ELMAEVARSYP-----SDPSTR-----
17_CG15598 F-SYLDNVLDV-----QDVN-----VTQRLKFFKNQVDYQVDKEKEEH-----SEARAA--SAETPIEE-----SRS
18_CG1169 L-QWFNSAL--R-----QPEVR-----ITERLSIVRTAE-----KVE-----KTPINEARAS-----SRS
19_CG15189 M-RFVDNVM--S-----KDSFQ-----VSN--LEVRSNGE-----KTPINEARAS-----SRS
20_CG15188 L-TYLDIVA--NV-----EEEVS-----GRA-----LGDDV----- .. -----
21_CG14925 L-HALSRAL--D-----QDSIK-----IVDGLALEKQO-----SETESILG-----SLTDARQFG--NL
22_CG8644 KKRLRDRVSA-----PQMAENETPEMVEPDQEDQRDSLQAEIRQDAQAE-----ALME--TQTESPNYDDSESLSAAKRRKRKRDRNKRKDE-----V-----ESETD
23_CG15538 L-HIFEGIM--S-----SPEIS-----IYDGVRVAA-----P--NS--TD--NATRPDDERKDLKHLT-----
24_CG15589 V-DYVEQFFS-----NGRYE-----PTPGLVLALQON-----HSHP--QSYTG-----KR-----

```

1_CG15585  ---ILKFL---KRAMETFGRNH-GLQLRLN---SEGGARVMEES----- .. E---AR- .. -----LK-RKKKK---WLI---ILPLVILMKIA--HLK--
2_CG1148  --NQLLKYG---LRAERFIKST-ALEVWEP---E-ELTEAGRYEARFIGNDIDGELDLIDDG .. QRAGHFSR .. -----K-KL-KK---M---IIPLLLVLKIF-KLKL--
3_CG1150  ---FALLM---ANKLWKFIRSR-SLRYKFS---E-NTDFVI---NSDPEGSLNLGVSVRPL .. E---GR- .. -----G-KM-K---N---MGPLMMMAAK---T--
4_CG10303  -----LSGFMDFTVEN-AIRVPVG---P-MVFSVQRAEDSDYIEVALLKKTSSST .. -----GRL .. G---RRRHQH-QDK-KQ-FQ---M---FIPMYLAATTF-----
5_CG15590  EEPDQEQGL---LDSLSFYLRTH-EINVKLA---D-LLEDES---QVS .. E---AR- .. -----KK-DK---G---QGMLLAMALMF---G--
6_CG1151  ---MGNFY---MDNAKSFFAER-SLNFNFA-----NAARSVARAIPDDIKADLREL .. E---SR- .. -----TRKK-KL-LK---K---FLPILLGVGAK---I--
7_CG1153  ---FESLA---LNRISFLNSH-TIKVELK---G-ADIVQA--VSSTGR .. E---SR- .. -----GKKK-KA-AK---I---LGPILALVALK---A--
8_CG15591  ---LNNMI---LKRVGNFQDH-TLQVKFDN-----EANSV .. E---GR- .. -----K-KKEKK---G---NGAMIMIPLLL---G--
9_CG15592  ---VDSLL---VERVARFFGTH-TLQFKVP---K-----DSIQDMQRALE .. E---SR- .. -----GKKK-EK-KK---Y---LMPLMLFKLK---M--
10a_CG15593  ---RGI---LENAGAVMQR-SMEWHM----- .. T---GR- .. -----V-LT-KQ---Y---LLPFLGLKFN---L--
10b_CG15593  ---MGL---PGKLELVQGR-ALRLQLP---R-QLTISNAIDDFGSELGLD----- .. Q---GR- .. -----K-KK-DK---D---KMMAMMGGMIM---M--
11_CG15596  ---LDALL---LERFLNFVHSH-QLQVNLPL---RLLRFGE---RNVQDWLLHVVGYPMPAS .. E---GR- .. -----KKKDDK---Y---LGPFTAIVLLK---
12_CG1154  ---LTNML---IERLSYFFNGH-SLQVSFP---K-----LTSDEIGRGLE .. E---GR- .. -----G-KM-KK---M---MGMMMGMMAMK---M--
13_CG15595  --TQLHSLITDDLSTEEVNNML----- .. ETWSTEGR .. ---GKH---KKQK-KL-MK---M---VYPLLAAVA---K--
14_CG1155  ---LVDLA---VSSAADFLSTH-NLEFKLP---A-----ETTQVARALD .. E---GR- .. -----G-KI-KK---M---LGPVLAIGA---L--
15_CG1157  ---ESF---EDRAERYLETH-ELNLSFS---G-DEQDENSENEYTGRAMD .. E---SR- .. -----SK-RM-KK---M---LLPLLALALKK---K--
16_CG31561  ---LNGYI---VAKLENLLRTR-FLRFRL---D-DKSLV----- .. E---GR- .. -----KHKFGK-KG-----G---LEALVAAGVMM---K--
17_CG15598  ---VTSAL---YGKSIKAMTHDLEVDLPE-----VM- .. ALLLIKI- .. -----IK---IKLFWLLPIVIGVGAAKKLLLK
18_CG1169  ---MNPPEARL---FDDIDSYLGS-SLRIQAP---E-YFRTSE-ARSLVPDFLMSNPLTQGGLV .. E---GR- .. -----G-MI-RK---A---KMPVLLGLK---T--
19_CG15189  ---SADGF---LDAIENYIRGH-DVSMPLP---L-ADAKVTVSARNLVNNQLSLNLQNGDD .. E---AR- .. GKKGNIFKKGKHH-RL-RK---L---AMPILVILLK---A--
20_CG15188  ---IDKVI---VDRLGRILNTN-EMRLQLP---Q-TFAGSVVTVRSRDRG---FDLE-LPKD .. E---KK- .. -----K-DK---L---FLPLLLLMKFK---L--
21_CG14925  ---SPIDRAL---LSKADKLMRTH-TLKIDMDVGGGDS---VGR- .. -----EH- .. -----GHKK-KKHKEGGH---IKYVVAALLTA---M--
22_CG8644  --QPDPAPE---DETIQRYNVGP-GLNVSLD---MS-NDIVHVKLDGENLKEIIGARWLTLDNS .. E---GRG .. -----KKYDMITK---KVVPLILPFLI---Q--
23_CG15538  ---WFDQL---AVSLAKGLTTH-TLQVNLG---K-LTERYLSSDP-----VG .. S---AR- .. -----RR-HR-YN---M---ITMMFGVTAL---G--
24_CG15589  ---TRRSI---LE----- .. RLLFFSGL .. -----KK-----V---MWPIYMGLOVLKSVLF--

```

```

1_CG15585  MTLVSMIMG---VLGMNVL . ----- . LVGGVGLIHYLKYKTMCKIHP .. WATSKAYNA-HNYLDTISKRIQ----- ..
2_CG1148  LLFLPFIILGIAGLKK---- . ----- . ILGLAAIVLPGL-----FAVFK-----LCRPPGGVGA-FGGGLSGLFGKNT .. PQEAAYNGYGRNSGKDIVAEQPPQKS ..
3_CG1150  GMVGALLKGLFLLAGKAL . ----- . IVSKIALLLAVI---ISLKK-----LL-S---SK-----AQNMAYSG-QPPGKVAQ----- ..
4_CG10303  -GWTMVAAKAVGLLTLKAL . ----- . ILSKIAFVVAAI---VLIKK-----LMDN-----HM---PYRS----- ..
5_CG15590  KMMAVMGLGGIAALAMKAL . ----- . GVSVALMMAGM---LGLKT-----AA-Q---HG-----LAYRG-WD----- ..
6_CG1151  AVLGVGSIFGLLFLAKKAL . ----- . VVSVIAFFLALA---AGASS-----GLGRIGSGG-GGGLLGGGLGGLFGGK .. AQTIAVYQ-YKQARR----- ..
7_CG1153  AALLPPLLGAIALIAGKAL . ----- . LIGKIALVLSAV---IGLKK-----LL-S---QE-----AQDLAYGA-QKPVQA----- ..
8_CG15591  GTIVPLAYGALAMLAGKAL . ----- . IVSKIALVLSAI---IGIKK-----LL-S---GGGG-G-----ELDTAYSG-WKPAKESAGSAKSL----- ..
9_CG15592  AALLPLAIGFLALISFKAL . ----- . VIGKIALLSGI---IGLKK-----LL-E---SK-----AQLAYAA-YKQ----- ..
10a_CG15593  VALVPLIFAGICLLKKSLSL . ----- . FLVKLAIYVSSF---LGLGG-----IVGGL-----GGLG .. TVFGKQDEFHH-----QYD ..
10b_CG15593  ATLAQMFLGKIVLIAGSAF . ----- . IMAKIALVISLL---GSLKK-----GS-T---GHS-----GSHMEYQA-YQMEPLKRR----- ..
11_CG15596  TAILKMAYHSIAIVAGKAL . ----- . IVGKIALISAI---IGLKK-----LV-G---HDGG-----MQDKAYQA-WMPHVAASPPVAKGS----- ..
12_CG1154  MGMIPIAMGALYILAGKAL . ----- . IISKIALLAGI---IGLKK-----LM-S---GKSS-GGSSGWSS-----AQELAYRA-HHQEQVAHQSRPQ----- ..
13_CG15595  VVLLPLILKWLTALESTSSS . ----- . VMGKIALVTSGI---LALKW-----ILSGGHADRL-E-----IISH-APLVKGLH---ASDLSS ..
14_CG1155  FAVIPLVLGFLALLTFKAV . ----- . IVAKLAFFLAIL---VGGSR-----LL-G---GFGN-KFGG---NSFAGAY .. AQLAYAG-QQQ----- ..
15_CG1157  AVVVKIMFTIIFKLSL . ----- . AISFLALILAGA---TFPKD-----LL-A---KKK-----AADLAYNH-YGLAQP----- ..
16_CG31561  GMLMAMGLGALMAGKAL . ----- . MTALMALTLSGV---LGLKS-----LA-G---GGG-----FGYGG-YARSLKVDQSANKI----- ..
17_CG15598  LLFLFPALSHLFLKCLSHYQ . ----- . ILLKIDKIEQL-----GVKN---DLCKERIVCSMYKDPATYSP-HSNFISAEISRDT .. YRLIQAAARDGQDQDCQSLYPQCN ..
18_CG1169  TVLVPLALGLIALKATWKAM . ----- . TLGLLSLVLSGA---LVIFK-----IAKP-----AQDLAYAGK----- ..
19_CG15189  ITVIPMAIGILKIKAFNAL . ----- . ALGFFSFIVSVG---LAIFQ-----LCKK-----LGOALAYQA-YA----- ..
20_CG15188  KVIMPIILLALIGLKATKAL . ----- . ILSKIAIKLVG---FLIYN-----LI-Q---KLG---GMK---MNMVPMPA .. SQNLAYSS-YHPSSSSSYSSGSSSSGSS ..
21_CG14925  GIAGPLGLKALAAIAGKAL . ----- . VISKVALTIAGI---IALKK-----LFSH-----DPYRYEYHQ----- ..
22_CG8644  SAIVPLVTKLKLKLLVKSISL . ----- . LVGKLAIFLLII---SAIKN-----SSAAAAYNG-YRVEGKPTTIS----- ..
23_CG15538  AILVPMGFQMLSIIVSGKAL . ----- . LLAKMALLASI---NGLKR-----VA-----NNGLHYGLYHPQE---HLGGY-YDRG ..
24_CG15589  AMFLPTIISVSRLIGKGI . ATLSRY . LLSRLDVSVAQL-----KLNPEACREKLICLMYANPAKYAP-YSNLVAQLSRELN .. FKMRAAKGDQVDCDESFACK ..

```

Figure S1. Alignment of *D. melanogaster* Osiris protein sequences. Multiple alignment was generated using the entire Osiris sequences and aligned *D. melanogaster* sequences are extracted and presented above. The five Osiris signatures are color-coded: predicted signal peptide in red, 2-Cys region in orange, duf1676 region in blue, predicted transmembrane region in green, and AQXLAY motif in purple. Long insertion regions are excluded and indicated by "...". Osiris 10 proteins are divided into two parts, and included in the alignment as 10a and 10b.